# 2018/9/18

* 一. 论文阅读
  + - 基于丝/苏氨酸位点-修饰网络的蛋白质翻译后修饰预测研究：
    - 特征提取与特征选择：
      * PSSM 矩阵信息
      * 氨基酸序列正交编码（BINARY）
      * 基于氨基酸组成的编码（AAC）
      * 基于 k 空格氨基酸对的编码（CKSAAP）
      * N‐CKSAAP 编码

二. 算法设计

(巴豆酰化预测算法设计.docx)

* 三. 明日计划：
  + 尝试完成CKSAAP编码代码
  + 尝试完成进行F-score打分矩阵